

1 GCACGAGGAACAGAACACTTTCTCATGTGCCAGGGTCAGATTACAAGAGCACTCAAGACTT 60  
 61 TACTGACGAAAACCTCAGGAAATCCTCTATCACAAGAGGTTTGGCAACTAACTAAGACA 120  
 121 TTAAGGAAAATACCAGATGCCACTCTGCAGGCTGCAATAACTACTACTTACTGGATAC 180  
 181 ATTCAAACCTCCAGAATCAACAGTTATCAGGTAACCAACAAGAAATGCAAGCCGTCGAC 240  
 1 M Q A V D 5  
 241 AATCTCACCTCTGCGCCTGGGAACACCAAGTCTGTGCACCAGAGACTACAAAATCACCAG 300  
 6 N L T S A P G N T S L C T R D Y K I T Q 25  
 301 GTCCTCTTCCCACTGCTCTACACTGCTCTGTTTTTTGTTGGACTTATCACAATGGCCTG 360  
 26 V L F P L L Y T V L F F V G L I T N G L 45  
 361 GCGATGAGGATTTTCTTTCAAATCCGGAGTAAATCAAACTTTATTATTTTCTTAAGAAC 420  
 46 A M R I F F Q I R S K S N F I I F L K N 65  
 421 ACAGTCATTCTGATCTTCTCATGATTCTGACTTTTCCATTCAAATCTTAGTGATGCC 480  
 66 T V I S D L L M I L T F P F K I L S D A 85  
 481 AAACGGGAACAGGACCACTGAGAACTTTTGTGTGCAAGTTACCTCCGTCATATTTTAT 540  
 86 K L G T G P L R T F V C Q V T S V I F Y 105  
 541 TTCACAATGTATATCAGTATTTTATTCTGCGGACTGATAACTATCGATCGCTACCAGAAG 600  
 106 F T M Y I S I S F L G L I T I D R Y Q K 125  
 601 AcCACCAGGCCATTTAAACATCCAACCCCAAAATCTCTTGGGGGCTAAGATTCTCTCT 660  
 126 T T R P F K T S N P K N L L G A K I L S 145  
 661 GTTGTCATCTGGGCATTATGTTCTTACTCTCTTtGCCTAACATGATTCTGACCAACAGg 720  
 146 V V I W A F M F L L S L P N M I L T N R 165  
 721 CAGCCGAGAGACAAGAATGTGAGAAaTGCTCTTTCCTTAAATCAGAGTTCGGTCTAGTC 780  
 166 Q P R D K N V K K C S F L K S E F G L V 185  
 781 TGGCATGAAATAGTAAATTACATCTGTCAAGTCATTTCTGGATTAATTTCTTAATTGTT 840  
 186 W H E I V N Y I C Q V I F W I N F L I V 205

FIG.1A

841 ATTGTATGTTATACTCATTACAAAGAACTGTACCGGTCATACGTAAGAACGAGGGGT 900  
 206 I V C Y T L I T K E L Y R S Y V R T R G 225

901 GTAGGTAAAGTCCCGAGGAAAAAGGTGAACGTCAAAGTTTTTCATTATCATTGCTGTATTC 960  
 226 V G K V P R K K V N V K V F I I I A V F 245

961 TTTATTTGTTTTGTTCCCTTTCCATTTTGCCCGAATTCCTTACACCCTGAGCCAAACCCGG 1020  
 246 F I C F V P F H F A R I P Y T L S Q T R 265

1021 GATGTCTTTGACTGCACtGcTGAAAATACTCTGTTCATGTGTGAAGAGAGACTCTGTGG 1080  
 266 D V F D C T A E N T L F Y V K E S T L W 285

1081 TTAAC TTCCTTAAATGCATGCCTGGATCCGTTTCATCTATTTTTTCCTTTGCAAGTCCTTC 1140  
 286 L T S L N A C L D P F I Y F F L C K S F 305

1141 AGAAATTCCTTGATAAGTATGCTGAAGTGCCCAATTCTGCAACATCTCTGTCCCAGGAC 1200  
 306 R N S L I S M L K C P N S A T S L S Q D 325

1201 AATAGGAAAAAAGAACAGGATGGTGGTGACCCAAATGAAGAGACTCCAATGTAACAAAT 1260  
 326 N R K K E Q D G G D P N E E T P M \* 343

1261 TAACTAAGGAAATATTTCAATCTCTTTGTGTTCAGAACTCGTTAAAGCAAAGCGCTAAGT 1320

1321 AAAAAATTAAC TGACGAAGAAGCAACTAAGTTAATAATAATGACTCTAAAGAAACAGAA 1380

1381 GATTACAAAAGCAATTTTCATTACCTTTCCAGTATGAAAAGCTATCTTAAATATAGAA 1440

1441 AACTAATCTAAACTGTAGCTGTATTAGCAGCAAAACAAACGACATCCAATTGTCATGCTG 1500

1501 CATGCAAACTACACAGAATTCATGTTTTGgCAGAGTTTTGGCAAAATGAGTAATCATAT 1560

1561 AATATTTACTGTAATTTTTTAAATACATTATCGTTCACAAATTTTATTTTTTCATAATCAA 1620

1621 CTAAGGAAGAACGATCAATTGGATATAATCTTCTTACCAAAAATGATAGTTAAAAATGAT 1680

1681 ATATATCCTAGTCCCCTAACCaAATCCTGACCTATTGGGATACTTATAAAAAATTAAGTA 1740

1741 AGTGGGATACACAAGAATAATAACTATTAACTTTTCATTATTAGCcAAAAACCTAAGGG 1800

FIG.1B

1801 ATTTAACTAATTGAAaCTGTATTTGATTGGACTTAATTTTTTATGTTTATTAGAAGAT 1860  
1861 AAAGATTTAAGAAGACCTTTACAATAAAGAGAAGAAATATCGAAGTCATTAATAAGGA 1920  
1921 GACTTACTTTTATGACATTCTAATACTAAAAATATAGAAATATTCCTTAATTCTAGAG 1980  
1981 AAAGTAGTTTACTAATTTTTTACAACCTCAATAATACCATCACTGACACTTACCTTTAT 2040  
2041 TAATTAGCTTCTAGAAAATAGCTGCTAATTAGGTTAATGAACATTTTACCTTAGTGAAAA 2100  
2101 AAAaTTAATTAAATATGATTACAAAGTTGCACAGCATAACTACTGAGAGGAAAGTGATTG 2160  
2161 ATCTGTTTGAATTACTTGTTTGTATTGGTGTGTATAAAATACAAATTTACATTAAACTC 2220  
2221 TAAAtcattaaaAAAAAAAAAAAAAAAA 2247

FIG.1C

FIG. 2

1 GGCACGAGCCACCTGCGTCGGGCTCAGTCAGCCCCGGGGGAGGCCATGAACGCCAC 60  
 1 M N A T 4  
 61 GGGGACCCGGTGGCCCCGAGTCTTGCCAACAGCTGGCGGCCGGCGGGCACAGCCGGCT 120  
 5 G T P V A P E S C Q Q L A A G G H S R L 24  
 121 CATTGTCTGCACTACAACCACTCGGGCCGGCTGGCCGGGCGCGGGGGCCGAGGATGG 180  
 25 I V L H Y N H S G R L A G R G G P E D G 44  
 181 CGGCCTGGGGGCCCTGCGGGGGCTGTCGGTGGCCGCCAGCTGCCTGGTGGTCTGGAGAA 240  
 45 G L G A L R G L S V A A S C L V V L E N 64  
 241 CTTGCTGGTGTGTCGGCGGCATCACCAGCCACATGCGGTGCAACGCTGGGTCTACTATTG 300  
 65 L L V L A A I T S H M R S Q R W V Y Y C 84  
 301 CCTGGTGAACATTACGATGAGTGACCTGCTCACGGGCGCGGCTACCTGGCCAACGTGCT 360  
 85 L V N I T M S D L L T G A A Y L A N V L 104  
 361 GCTGTGCGGGGGCCGACCTTCCGTCTGGCGCCGCCAGTGGTTCCTACGGAAGGGCCT 420  
 105 L S G A R T F R L A P A Q W F L R K G L 124  
 421 GCTCTTACCGCCCTGGCCGCCCTCCACCTTCAGCCTGCTCTTCACTGCAGGGTTGCGCTT 480  
 125 L F T A L A A S T F S L L F T A G L R F 144  
 481 TGCCACCATGGTGGGCCGGTGGCCGAGAGCGGGGCCACCAAGACCAGCCGCTTACGG 540  
 145 A T M V R P V A E S G A T K T S R V Y G 164  
 541 CTTTCATCGGCCCTCTGCTGGCTGCTGGCCGCGCTGCTGGGGATGCTGCCTTTGCTGGGCTG 600  
 165 F I G L C W L L A A L L G M L P L L G W 184  
 601 GAACTGCCTGTGCGCCTTTGACCGCTGCTCCAGCCTTCTGCCCTCTACTCCAAGCGCTA 660  
 185 N C L C A F D R C S S L L P L Y S K R Y 204  
 661 CATCCTCTTCTGCCTGGTGATCTTCGCCGGCGCTCTGGCCACCATCATGGGCTCTATGG 720  
 205 I L F C L V I F A G V L A T I M G L Y G 224  
 721 GGCCATCTTCCGCCCTGGTGCAGGCCAGCGGGCAGAAGGCCCCACGCCAGCGGCCCGCCG 780  
 225 A I F R L V Q A S G Q K A P R P A A R R 244

FIG.3A

781 CAAGGCCCGCCGCTGCTGAAGACGGTGCTGATGATCCTGCTGGCCTTCTTGGTGTGCTG 840  
 245 K A R R L L K T V L M I L L A F L V C W 264

841 GGGACCACTCTTCGGGCTGCTGCTGGCCGACGCTTTGGCTCCAACCTCTGGGCCAGGA 900  
 265 G P L F G L L L A D V F G S N L W A Q E 284

901 GTACCTGCGGGGCATGGACTGGATCCTGGCCCTGGCCGTCCTCAACTCGGCGGTCAACCC 960  
 285 Y L R G M D W I L A L A V L N S A V N P 304

961 CATCATCTACTCCTTCCGACGAGGGAGGTGTGCAGAGCCGTGCTCAGCTTCTCTGCTG 1020  
 305 I I Y S F R S R E V C R A V L S F L C C 324

1021 CGGGTGTCTCCGGCTGGGCATGCGAGGGCCCGGGGACTGCCTGGCCCGGGCGCTCGAGGC 1080  
 325 G C L R L G M R G P G D C L A R A V E A 344

1081 TCACTCCGGAGCTTCCACCACCGACAGCTCTCTGAGGCCAAGGGACAGCTTTCGCGGCTC 1140  
 345 H S G A S T T D S S L R P R D S F R G S 364

1141 CCGCTCGCTCAGCTTTCCGATGCGGAGGCCCTGTCCAGCATCTCCAGCGTGCAGGAGCAT 1200  
 365 R S L S F R M R E P L S S I S S V R S I 384

1201 CTGAAGTTGCAGTCTTGC GTGTGGATGGTGCAACCACCGGGTGC GTGCCAGGCAGGCCCT 1260  
 385 \* 385

1261 CCTGGGGTACAGGAAGCTGTGTGCACGCAACCTCGCCCTGTATGGGGAGCAGGGAACGGG 1320

1321 ACAGGCCCCCATGGACTTGCCCGGTGGCCTCTCGGGGCTTCTGACGCCATATGGACTTGC 1380

1381 CCATTGCCTATGGCTCACCTTGGACAAGGAGGCAACCACCCACCTCCCCGTAGGAGCAG 1440

1441 AGAGCACCTGTGTGGGGCGAGTGGGTCCCCACAACCCGCTTCTGTGTGATTCTGG 1500

1501 GGAAGTCCCGGCCCTCTCTGGGCTCAGTAGGGCTCCAGGCTGCAAGGGGTGGACTGT 1560

1561 GGGATGCATGCCCTGGCAACATTGAAGTTCGATCATGGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1620

1621 AAAAAAAAAAAAAAAAAA 1637

FIG.3B

1	MNATGTPVAPESCQQLAAGGHSRLIVLHYNHSGRLAGRGPGPEDGGLGALR	50
	.: .: ... ..: .: :      .: .: .: .: : .	
1	MGPTSVPLVKAHRSSVSDYVNYDIIVRHNYTGLKNISADKEN.SIKLTS	49
51	GLSVAASCLVLENNLLVLAAITSHMSQRWVYYCLVNITMSDLLTGAAYL	100
	.: : : ::   :    . : :  :  : .:     .:	
50	VVFILICCFIILENIFVLLTIWTKKFHRPMYYFIGNLALSDLLAGVAYT	99
101	ANVLLSGARTFRLAPAQWFLRKGLLFTALAASTFSLFTAGLRFATMVPR	150
	:      :: .     .  : .  -  .     .    :   ::	
100	ANLLLSGATTYKLTAPAQWFLREGSMFVALSASFSLAIAIERIYITMLKM	149
151	VAESGATKTSRVYGFIGLCWLLAALLGMLPLLGNWNCICAFDRCSLLPLY	200
	.. . ..  :: : :   :: :    ::   :: .:.   .:	
150	KLHNGS.NNFRLFLISACWISILGLPLMGWNCISALSSTCVLPLY	198
201	SKRYILFCLVIFAGVLATIMGLYGAFRLVQASGQKAPRPAARRKARR..	248
	:      .: . :  : :   .  .:  ...: . . .   -	
199	HKHYILFCTTVFTLLLSIVILYCRIYSLVRTSRRLTFRKNISKASRSS	248
249	...LLKTVLMILLAFLVCWGPLFGLLLADVFGSNLWAEQYLRGMDWILA	294
	:::  .: : :           .:... :  ::: .	
249	ENVALLKTVIIVLSVFIACWAPLFIILLLDV.GCKVKTCIDILFRAEYFLV	297
295	LAVLNSAVNPIIYSFRSREVCRAVLSFLCCGCLRLGMRGPGDCLARAVEA	344
	: :     . : : : : : . .   ::: : : :	
298	LAVLNSGTNPIIYTLTNKEMRRAFIRIMSCCKCPSG..DSAGKFKRPIIA	345
345	...HSGASTTDDSLRPRDSFRGSRSLSFRMREPLSSIS	379
	..... : : .  ... : : :	
346	GMEFSRSKSDNSSHPKODE..GDNPETIMSSGNVNSSS	381

FIG. 4